

```

10      19      28      37      46      55
AAC AAG AGG AGC ACC AGA CCT CCT CTT GGC TTC GAG ATG GCT TCG CCA CAC CAA

64      73      82      91      100      109
GAG CCC AAA CCT GGA GAC CTG ATT GAG ATT TTC CGC CTT GGC TAT GAG CAC TGG
E P K P G D L I E I F R L G Y E H W

118      127      136      145      154      163
GCC CTG TAT ATA GGA GAT GGC TAC GTG ATC CAT CTG GCT CCT CCA AGT GAG TAC
A L Y I G D G Y V I H L A P P S E Y

172      181      190      199      208      217
CCC GGG GCT GGC TCC TCC AGT GTC TTC TCA GTC CTG AGC AAC AGT GCA GAG GTG
P G A G S S S V F S V L S N S A E V

226      235      244      253      262      271
AAA CGG GAG CGC CTG GAA GAT GTG GTG GGA GGC TGT TGC TAT CGG GTC AAC AAC
K R E R L E D V V G G C C Y R V N N

280      289      298      307      316      325
AGC TTG GAC CAT GAG TAC CAA CCA CGG CCC GTG GAG GTG ATC ATC AGT TCT GCG
S L D H E Y Q P R P V E V I I S S A

334      343      352      361      370      379
AAG GAG ATG GTT GGT CAG AAG ATG AAG TAC AGT ATT GTG AGC AGG AAC TGT GAG
K E M V G Q K M K Y S I V S R N C E

```

FIGURE 1A

388 CAC TTT GTC ACC CAG CTG AGA TAT GGC AAG TCC CGC TGT AAA CAG GTG GAA AAG 433
H F V T Q L R Y G K S R C K Q V E K
442 GCC AAG GTT GAA GTC GGT GTG GCC ACG GCG CTT GGA ATC CTG GTT GTT GCT GGA 487
A K V E V G V A T A L G I L V V A G
496 TGC TCT TTT GNG ATT AGG AGA TAC CAA AAA AAA GCG ACA GCC TGA AGC AGC CAC 541
C S F X I R R Y Q K A T A
550 AAA ATC CTG TGT TAG AAG CAG CTG TGG GGG TCC CAA 577

FIGURE 1B

1	M	A	S	P	H	Q	E	P	K	P	G	D	L	I	E	I	F	R	L	G	Y	E	H	W	A	L	Y	I	G	D	SEQ ID NO-1
1	M	R	A	P	I	P	E	P	K	P	G	D	L	I	E	I	F	R	L	G	Y	R	H	W	A	I	Y	V	G	D	GI 1054752
1	M	-	-	P	I	P	E	P	K	P	G	D	L	I	E	I	F	R	L	G	Y	S	H	W	A	I	Y	V	G	D	GI 1709969
31	G	Y	V	I	H	L	A	P	P	S	E	Y	P	G	A	G	S	S	V	F	S	V	L	S	N	S	A	E	V	SEQ ID NO-1	
31	G	Y	V	V	H	L	A	P	P	S	E	V	A	G	A	G	A	S	V	M	S	A	L	T	D	K	A	I	V	GI 1054752	
29	G	Y	V	I	H	L	A	P	P	S	E	I	P	G	A	G	A	S	I	M	S	A	L	T	D	K	A	I	V	GI 1709969	
61	K	R	E	R	L	E	D	V	V	G	G	C	C	Y	R	V	N	N	S	L	D	H	E	Y	Q	P	R	P	V	E	SEQ ID NO-1
61	K	K	E	L	L	Y	D	V	A	G	S	D	K	Y	Q	V	N	N	K	H	D	D	K	Y	S	P	L	P	C	T	GI 1054752
59	K	K	E	L	L	R	D	V	A	G	K	D	K	Y	Q	V	N	N	K	H	D	K	E	Y	T	P	L	P	L	N	GI 1709969
91	V	I	I	S	S	A	K	E	M	V	G	Q	K	M	K	Y	S	I	V	S	R	N	C	E	H	F	V	T	Q	L	SEQ ID NO-1
91	K	I	I	Q	R	A	E	E	L	V	G	Q	E	V	L	Y	K	L	T	S	E	N	C	E	H	F	V	N	E	L	GI 1054752
89	K	I	I	Q	R	A	E	E	L	V	G	Q	E	V	L	Y	R	L	T	S	E	N	C	E	H	F	V	N	E	L	GI 1709969

FIGURE 2A

121	R	Y	G	K	S	R	C	K	Q	V	E	K	A	K	V	E	V	G	V	A	T	A	L	G	I	L	V	V	A	G	SEQ ID NO-1
121	R	Y	G	V	A	R	S	D	Q	V	-	R	D	V	I	I	A	A	S	V	A	G	M	G	L	A	A	M	S	L	GI 1054752
119	R	Y	G	V	P	R	S	D	Q	V	-	R	D	T	V	K	V	A	T	V	T	G	V	G	L	A	A	L	G	L	GI 1709969
151	C	S	F	X	I	R	R	Y	Q	K	K	A	T	A																	SEQ ID NO-1
150	I	G	V	M	F	S	R	-	N	K	R	Q	K	Q																	GI 1054752
148	I	G	V	M	L	S	R	-	N	K	K	Q	K	Q																	GI 1709969

FIGURE 2B

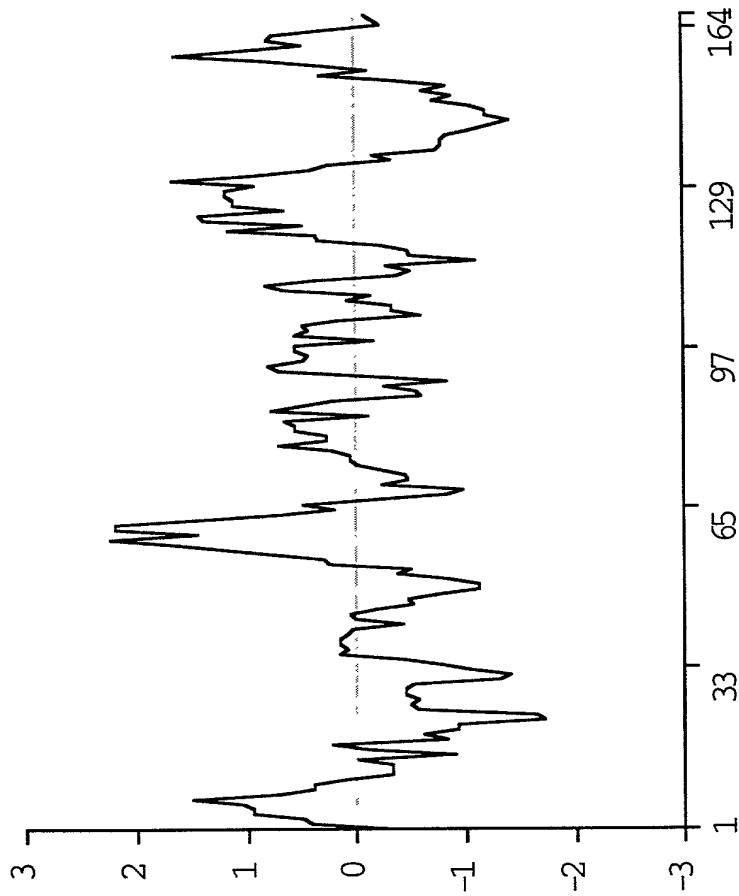


FIGURE 3

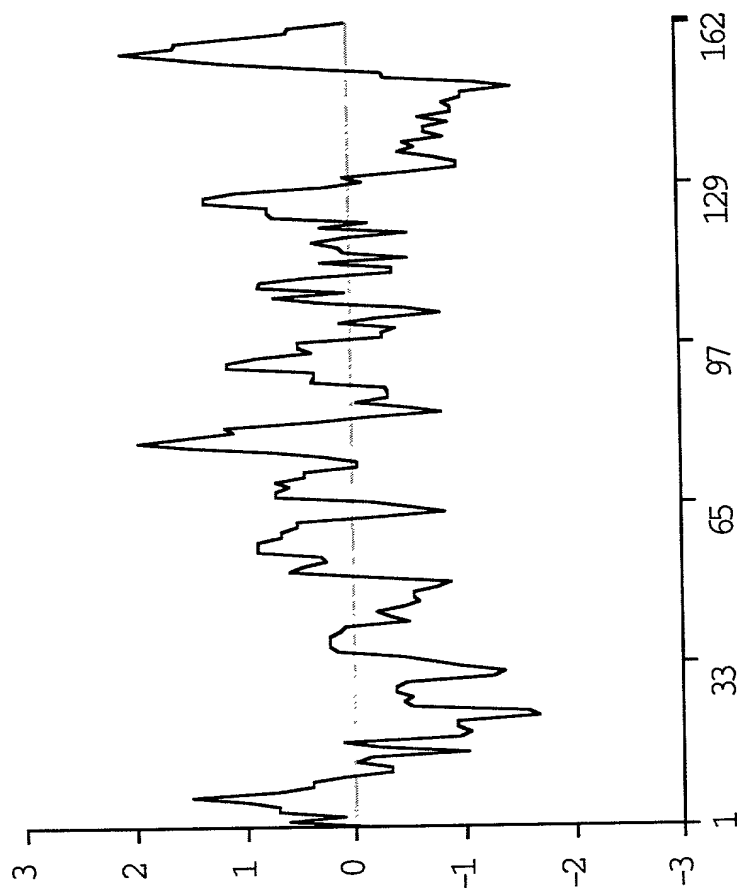


FIGURE 4